

Objektiewe bepaling van rassesamestelling deur genomika

Deur Jason Reding, Marike Hillocks, Hannah Kruger en dr Bobbie van der Westhuizen

Vir baie jare moes telers op stamboom-kennis en diere se fisiese voorkoms staatmaak vir 'n aanduiding van hul rassesamestelling. Hoewel dit in baie gevalle as 'n betroubare metode geag word, het dit beperkings en hang dit dikwels af van die interpretasie van die betrokke persoon. Stamboomrekords kan immers onvolledig of onbetroubaar wees. Boonop kan diere met uiteenlopende genetiese agtergronde baie eenders lyk, wat beteken dat die verskille nie altyd met die blote oog gesien kan word nie.

Moderne genomiese ontledings maak dit nou moontlik om die rassesamestelling van 'n dier met hoë akkuraatheid direk vanuit sy DNS te bepaal.

DNS is die genetiese bloudruk

Elke dier het 'n unieke DNS-kode wat van sy of haar ouers afkomstig is. Hoewel elke individu uniek is, deel diere van dieselfde ras kenmerkende dele van hul DNS weens seleksie oor baie generasies. Deur 'n dier

se DNS met dié van duisende diere uit bekende rasse te vergelyk, kan die bydrae van elke ras tot sy genetiese samestelling beraam word.

Hierdie proses berus op verwysingspopulasies wat uit 'n groot aantal diere bestaan en waarvan die rassesamestelling reeds bevestig is. Hul genomiese profiele dien as die verwysingsbasis waarmee ander diere vergelyk word. Hoe groter en meer verteenwoordigend dié populasies, hoe beter weerspieël hulle die natuurlike variasie binne 'n ras en hoe akkurater word die rasvoorspellings.

Die samestelling van hierdie verwysingspopulasies is daarom noodsaaklik. Dit moet die genetiese diversiteit van elke ras so volledig as moontlik verteenwoordig voordat hulle gebruik kan word. Eers dan kan enige dier met 'n genomiese profiel direk met hierdie verwysing vergelyk word.

Duisende enkelnukleotied-polimorfismes (SNP)-merkers wat oor die dier se hele genoom versprei is, word gebruik in die bepaling van rassesamestelling. Elke merker dra 'n klein stukkie inligting by, maar saam vorm hulle 'n betroubare beeld van die genomiese profiel van die dier. Hierdie magdom genetiese inligting word agter die skerms met behulp van statistiese metodes, soos SNP-BLUP (*best linear unbiased prediction*), saamgevoeg om die mees akkurate skatting van 'n dier se rassesamestelling te verkry.

GeneBox en die rassleutel

Hoofkomponentontleding (PCA) is 'n nuttige hulpmiddel om verwysingspopulasies te evalueer en grafies voor te stel. Hierdie voorstelling staan by SA Stamboek as 'n GeneBox bekend. Elke kolletjie verteenwoordig 'n individuele dier,

terwyl diere met 'n soortgelyke genetiese samestelling saamgroepeer. Dit bied 'n duidelike aanduiding van hoe goed rasse van mekaar onderskei kan word en hoe verteenwoordigend die verwysingspopulasies is.

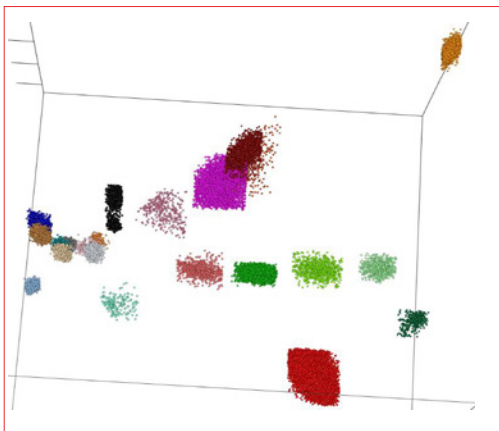
'n Groot voordeel van hierdie benadering is dat dit nie slegs op stamboomrekords of voorkoms staatmaak nie, maar op die werklike DNS wat 'n dier van sy ouers geërf het. Selfs wanneer geen betroubare stamboominsigting beskikbaar is nie, of by diere van kruis- en gemengde afkoms, kan genomiese ontledings die bydrae van elke ras tot die dier se genetiese samestelling met 'n hoë mate van akkuraatheid bepaal.

Die Vleisbeesgenomikaprogram (BGP2) speel tans 'n belangrike rol in die uitbreiding van SA Stamboek se verwysingspopulasies. Deelname aan BGP2 het dit moontlik gemaak om baie meer rasse by die rassleutel in te sluit en die akkuraatheid van rassbepalings voortdurend te verbeter.

Die eerste weergawe van SA Stamboek se rassleutel het 24 000 SNP-merkers gebruik en kon tussen drie melkrasse en agt vleisbeesrasse onderskei. Daarteenoor gebruik die tweede weergawe meer as 41 000 SNP-merkers en sluit 11 addisionele vleisbeesrasse in. Hierdie uitbreiding bied telers 'n vollediger en akkurater bepaling van hul diere se genetiese samestelling. Die nuwe weergawe is sedert Junie 2026 in werking en telers pluk reeds die vrugte daarvan met hul genomies-getoetsde diere.

Hoewel die huidige stelsel reeds aan die hoogste wetenskaplike standaarde voldoen, bly die akkuraatheid daarvan afhanklik van hoe goed 'n dier se genetica deur die verwysingspopulasies verteenwoordig word. Die akkuraatheid van rasvoorspellings sal verbeter namate meer diere genomies getoets word en hierdie verwysingspopulasies uitbrei. ^{VP}

Figuur 1: 3D GeneBox met beesrasse in die tweede weergawe van SA Stamboek se rassleutel ingesluit.



Elke kolletjie verteenwoordig 'n individuele dier, terwyl elke kleur 'n spesifieke ras aandui. Diere met soortgelyke genetiese samestelling is naby mekaar gegroepeer.